

矮败小麦对大穗大粒性状的聚合效应及优良材料筛选

袁谦,赵永涛,张中州,甄士聪,望俊森,范志业,王文豪

(漯河市农业科学院,河南漯河 462300)

摘要:为明确矮败小麦对优异性状的聚合效应,系统比较了矮败小麦群体与普通小麦群体对大穗型小麦新种质漯新001和大粒型小麦新种质漯麦76在大穗大粒性状聚合效应上的差异,以周麦22及其矮败小麦近等基因系矮败周麦22为母本,分别与漯新001和漯麦76杂交,构建普通小麦选择群体和矮败小麦选择群体,鉴定其初始分离世代的12个穗部性状和籽粒性状,综合运用多样性分析、相关性分析、主成分分析和聚类分析,系统评价矮败小麦对选择群体和后代株系的影响,筛选出优良重组材料。结果表明,两个选择群体多样性指数均较大,为5.47~5.60,说明各性状的变异类型均较丰富;两个小麦群体除穗长、小穗数、小穗着生密度和千粒重4个性状外均表现出显著性差异,矮败小麦选择群体穗部性状(除小穗数)变异系数均达到10%以上,大部分穗部性状和籽粒性状间表现极显著正相关,且相关性更强,说明矮败小麦选择群体更具选育潜力,同时有利于打破性状间的连锁;依据主成分分析提取的4个主成分(累积贡献率89.29%)进行聚类分析,将选择群体划分为7个类群,其中第Ⅳ类和第Ⅶ类对大穗大粒性状聚合具有超亲效应,前者在穗部性状上明显超亲,后者在籽粒性状上明显超亲,结合育种实践,第Ⅳ类为理想的目标类群,其矮败小麦选择群体占比77.19%,说明矮败小麦在育种实践中进行大穗大粒性状聚合更具优势。

关键词:矮败小麦;小麦新种质;大穗;大粒;遗传多样性;聚类分析

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2025)12-1655-09

Aggregation Effects of Dwarf Male-Sterile Wheat on Large Spike and Grain Traits and Screening of Elite Germplasm

YUAN Qian, ZHAO Yongtao, ZHANG Zhongzhou, ZHEN Shicong,
WANG Junsen, FAN Zhiye, WANG Wenhao

(Luohe Academy of Agricultural Sciences, Luohe, Henan 462300, China)

Abstract: This study aimed to systematically compare the differences in the aggregation effects of large-spike and large-grain traits between dwarf male-sterile wheat and common wheat using the novel large-spike germplasm Luoxin 001 and large-grain germplasm Luomai 76. Additionally, it sought to screen elite recombinant materials, providing a theoretical basis for efficiently aggregating superior traits using dwarf male-sterile wheat. Zhoumai 22 and its near-isogenic dwarf male-sterile wheat line (dwarf male-sterile Zhoumai 22) were used as female parents to hybridize with Luoxin 001 and Luomai 76, constructing common wheat and dwarf male-sterile wheat populations. Twelve spike and grain related traits were evaluated in the initial segregating generations. Diversity analysis, correlation analysis, principal component and cluster analysis were comprehensively used to assess the impact of dwarf male-sterile wheat on selection populations and progeny lines, and the elite recombinant materials were identified. Both selection populations exhibited high diversity indices (5.47–5.60), indicating abundant variation across traits. Significant differences were observed between the two populations

for all traits except spike length, number of spikelets, spikelet density, and thousand-kernel weight. The dwarf male-sterile selection population showed higher coefficients of variation ($>10\%$) in spike-related traits (except number of spikelets), stronger positive correlations among most spike and grain traits, and enhanced potential for breaking trait linkages. Based on principal component analysis (four components, cumulative contribution rate 89.29%), cluster analysis divided the populations into seven groups. Groups IV and VII exhibited transgressive segregation for the combination of large-spike and large-grain traits; Group IV exhibited transgressive superiority in spike traits, while group VII excelled in grain traits. Group IV (77.19% from the dwarf male-sterile wheat population) was identified as the ideal target, demonstrating the superiority of dwarf male-sterile wheat in aggregating large-spike and large-grain traits.

Keywords: Dwarf male-sterile wheat; Novel wheat germplasm; Large-spike; Large-grain; Genetic diversity; Cluster analysis

小麦是世界上主要的粮食作物之一,其产量直接关系到粮食安全与社会稳定。小麦产量由穗数、穗粒数和千粒重三要素共同决定^[1],协同提升产量构成三要素是小麦高产育种的目标^[2]。传统杂交育种中由于遗传背景狭窄,产量性状的协同提升常面临挑战。小麦近缘属植物具有丰富的优异基因^[3],通过远缘杂交创制产量性状突出的小麦新种质,为解决产量瓶颈提供了新途径。近年来,小麦与小黑麦^[4]、偃麦草^[5]、冰草^[6]以及人工合成小麦^[7]等近缘属植物杂交创制的小麦新种质不断涌现,在穗粒数、千粒重、成穗数等均有显著特点,但只有少数可应用于小麦育种,大多数小麦新种质单一性状突出,综合性状较差^[8-9]。如何高效聚合这些优异性状,成为小麦高产育种的关键问题。产量相关性状属于多基因调控的数量性状,传统的杂交育种方法很难实现基因的累加效应,无法充分利用小麦新种质^[10]。矮败小麦作为一种独特的遗传工具,因其矮秆不育特性,可省去人工去雄步骤,显著提高杂交效率^[11],并在产量和抗性相关微效多基因的聚合研究领域具有明显的优势^[12]。矮败小麦的利用大多根据育种目标构建多亲本基础群体,根据基础群体进行开放授粉形成轮回群体,实现多亲本优异性状的聚合^[13]。近年来,随着生物技术和生产发展的需要,单倍体育种、分子标记辅助选择等^[14-17]育种技术与矮败小麦相结合形成多个改良的育种方法,将优质、抗赤霉病、抗旱等优异性状与广适品种的高产性状聚合,选育了一批适合生产需要的小麦新品系。本研究以广适小麦品种周麦 22 及其矮败小麦近等基因系矮败周麦 22 为基础亲本,分别与小黑麦创制的大穗型小麦新种质漯新 001^[18]、

人工合成小麦创制的大粒型小麦新种质漯麦 76^[19]构建普通小麦选择群体和矮败小麦选择群体,利用初始分离群体的遗传多样性,系统比较矮败小麦与普通小麦在大穗大粒性状聚合效应上的差异,同时筛选优良重组材料,为后续利用矮败小麦进行小麦新种质的优异性状聚合提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料及群体构建

供试材料包括周麦 22 及其矮败小麦近等基因系(矮败周麦 22)、大穗型小麦新种质漯新 001 和大粒型小麦新种质漯麦 76。周麦 22 是河南省周口市农业科学院选育的小麦新品种,2007 年通过国家审定,具有高产、稳产、广适的特点。矮败周麦 22 是由矮败小麦与周麦 22 杂交,并以周麦 22 为轮回亲本连续回交 9 代获得。该近等基因系除携带矮秆基因 *Rht-D1c* 和雄性不育基因 *Ms2* 外,其余性状与周麦 22 高度一致。漯新 001 为利用小黑麦 LHXH11 与周麦 22 连续回交创制的大穗型小麦新种质,其系谱为周麦 22/LHXH11//周麦 22 * 2。漯麦 76 则是基于人工合成小麦 AM9,通过阶梯复合杂交培育的大粒型小麦新种质,其系谱为 S1045/郑麦 366//周麦 16,其中 S1045 由周麦 16/AM9//漯麦 18 杂交组合选育而来。

2022 年春季,以周麦 22 为母本与漯新 001 杂交;2023 年春季再用漯麦 76 为父本进行复交,构建普通小麦选择群体(common wheat selection population, C-WSP);同一时间,利用矮败周麦 22 的矮秆不育株与漯新 001 杂交,后以杂交后代中矮秆不育株与漯麦 76 复交获得矮败小麦选择群体(dwarf male-sterile wheat selection popula-

tion, DMS-WSP)。

1.2 田间试验设计

2023—2024 年两个选择群体种植于河南省漯河市农业科学院试验基地(33°37'27"N, 113°59'39"E, 海拔 97 m)。基地属于暖温带大陆性季风气候区, 处于中国南北气候过渡带, 试验地土壤为砂姜黑土, 肥力均匀。两个选择群体及其亲本采用单粒点播种植, 行长 2 m, 行距 25 cm, 株距 10 cm; 每个选择群体种植 36 行, 4 个亲本各种植 2 行。按当地小麦田间常规方式进行管理。

1.3 表型评价

在小麦蜡熟期, 调查两个选择群体及其亲本单株主茎穗部和籽粒相关的 12 个性状。每个亲本随机调查 10 株, 普通小麦选择群体和矮败小麦选择群体分别调查 270 株和 243 株, 其中矮败小麦调查高秆可育株。穗部性状参考袁谦等^[18]的方法人工测量, 包括穗长(cm)、小穗数、小穗粒数, 计算小穗着生密度(小穗数/穗长); 籽粒性状

采用万深 SC-A1 型智能考种分析系统(杭州万深检测科技有限公司)测量, 包括单穗重(g)、穗粒数、千粒重(g)、籽粒面积(mm²)、籽粒周长(mm)、粒长(mm)、粒宽(mm)和籽粒长宽比。

1.4 数据分析

采用 Excel 2013 软件进行试验数据整理, 并计算各性状的最小值、最大值、均值、标准差和变异系数。使用 SPSS 27.0 软件进行 *t* 检验和方差分析, 并对总群体进行主成分分析。应用 R4.3.2 软件 vegan 包、psych 包和 ggtree 包分别进行 Shannon-Wiener 多样性指数计算、相关性分析和系统聚类, 并用 ggplot2 包绘图。

2 结果分析

2.1 选择群体的多样性

两个选择群体穗部性状和籽粒性状比较结果(表 1)表明, 除穗长、小穗数、小穗着生密度和千粒重 4 个性状外, 其他性状在两个群体间均存在

表 1 选择群体穗部性状和籽粒性状的描述性统计

Table 1 Descriptive statistics of spike related traits and grain related traits in the selection populations

表型性状 Trait	类型 Type	变异系数 CV/%	多样性指数 DI	最小值 Min.	最大值 Max.	均值 Mean	标准差 SD	<i>t</i> 值 <i>t</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value
单穗重 Weight per spike/g	C-WSP	20.7	5.58	1.61	5.37	3.45	0.71	-4.44	<0.01
	DMS-WSP	22.8	5.47	1.66	6.21	3.76	0.85		
穗粒数 Grain number per spike	C-WSP	18.6	5.58	32	92	63.18	11.75	-5.28	<0.01
	DMS-WSP	18.5	5.48	33	100	68.87	12.70		
穗长 Spike length/cm	C-WSP	8.7	5.60	8.20	13.70	10.36	0.90	-0.09	0.93
	DMS-WSP	10.5	5.49	7.20	13.20	10.37	1.09		
小穗数 Number of spikelets per spike	C-WSP	7.7	5.60	17	28	23.32	1.80	1.60	0.11
	DMS-WSP	7.2	5.49	17	27	23.07	1.67		
小穗粒数 Grain number per spikelet	C-WSP	12.0	5.59	3	5	3.86	0.46	-5.90	<0.01
	DMS-WSP	12.6	5.49	3	5	4.12	0.52		
小穗着生密度 Spikelet density	C-WSP	8.8	5.60	1.85	2.77	2.26	0.20	0.98	0.33
	DMS-WSP	10.2	5.49	1.74	3.06	2.24	0.23		
千粒重 Thousand- kernel weight/g	C-WSP	8.2	5.60	41.20	69.91	54.52	4.45	0.80	0.43
	DMS-WSP	9.3	5.49	19.83	63.07	54.20	4.54		
籽粒面积 Grain area/mm ²	C-WSP	7.0	5.60	15.60	22.95	19.00	1.33	5.66	<0.01
	DMS-WSP	6.6	5.50	12.50	20.73	18.38	1.16		
籽粒周长 Grain perimeter/mm	C-WSP	3.6	5.60	16.34	19.65	17.76	0.64	7.32	<0.01
	DMS-WSP	3.4	5.50	14.85	18.58	17.37	0.56		
粒长 Grain length/mm	C-WSP	3.6	5.60	6.51	7.87	7.09	0.25	7.71	<0.01
	DMS-WSP	3.5	5.50	5.86	7.41	6.92	0.23		
粒宽 Grain width/mm	C-WSP	4.2	5.60	2.98	3.88	3.47	0.15	4.80	<0.01
	DMS-WSP	4.0	5.50	2.68	3.71	3.42	0.13		
籽粒长宽比 Grain aspect ratio	C-WSP	3.5	5.60	1.85	2.31	2.05	0.07	2.19	0.03
	DMS-WSP	3.1	5.50	1.84	2.23	2.04	0.06		

C-WSP: 普通小麦选择群体; DMS-WSP: 矮败小麦选择群体。

C-WSP: Common wheat selection population; DMS-WSP: Dwarf male-sterile wheat selection population.

显著差异。矮败小麦选择群体的单穗重、穗粒数、小穗粒数等穗部性状表现更好。普通小麦选择群体的籽粒面积、籽粒周长、粒长、粒宽等籽粒性状表现更好,同时籽粒长宽比更高,籽粒略长。变异系数比较发现,矮败小麦选择群体在单穗重、穗长、小穗粒数、小穗着生密度和千粒重等穗部性状上较普通群体具有较大的变异。不同表型性状的变异系数差别较大,变异系数范围为 3.1%~22.8%,但两个选择群体呈现相同趋势。其中,籽粒长宽比变异最小,普通小麦选择群体和矮败小麦选择群体变异系数分别为 3.5%和 3.1%;单穗重变异最大,普通小麦选择群体和矮败小麦选择群体变异系数分别为 20.7%和 22.8%。两个选择群体各性状的多样性指数均较大,且保持在较窄的范围(5.47~5.60),普通小麦选择群体各性状的多样性指数均略高于矮败小麦选择群体。

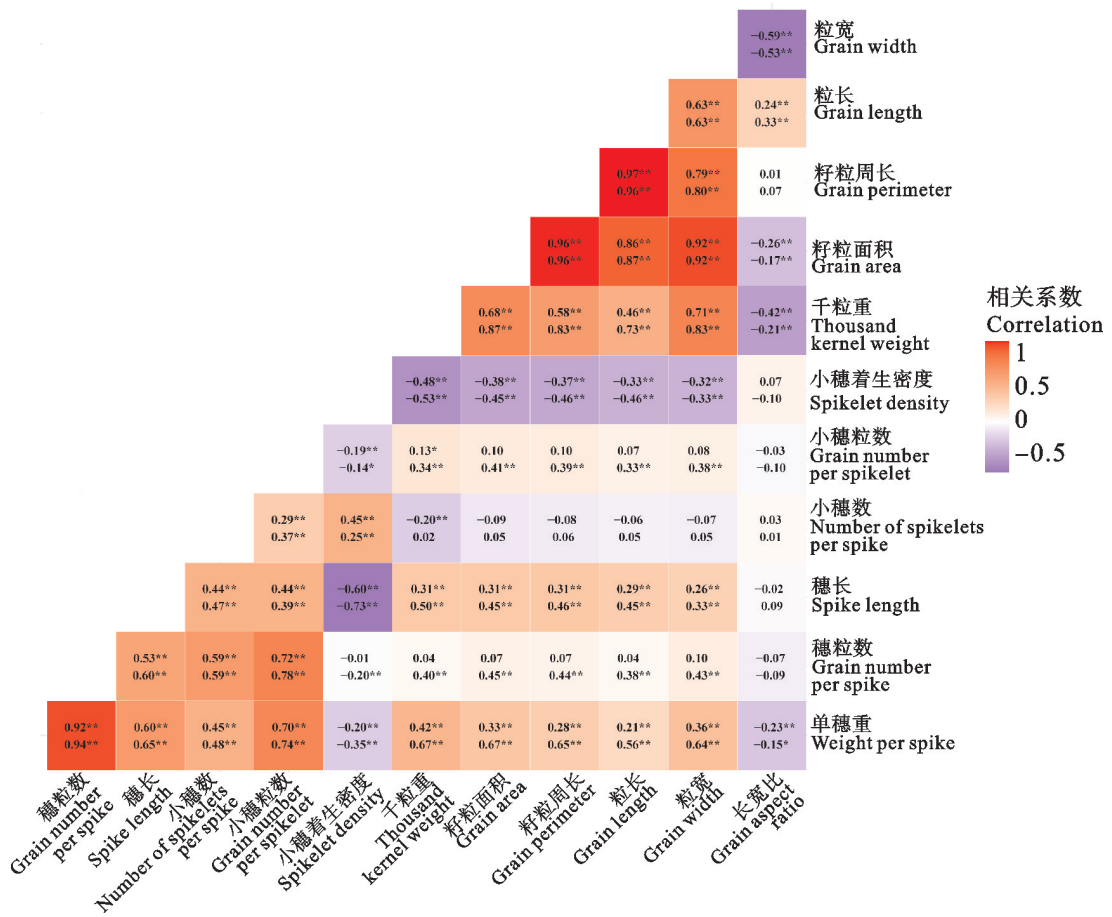
2.2 选择群体表型性状的相关性分析

经相关性分析(图 1),普通小麦选择群体和矮

败小麦选择群体的 12 个性状间均表现出不同程度的相关性,且大部分达到极显著水平,矮败小麦选择群体大部分性状间具有更强的相关性。

两个群体穗部性状(单穗重、穗粒数、穗长、小穗数和小穗粒数)间均呈极显著正相关,其中单穗重与穗粒数的相关性最大,相关系数分别为 0.92 和 0.94。小穗着生密度与其他穗部性状(单穗重、穗长和小穗粒数)呈显著负相关,其中小穗着生密度与穗长负相关性最大,相关系数分别为 -0.60 和 -0.73;小穗着生密度与小穗数呈显著正相关,相关系数分别为 0.45 和 0.25;普通小麦选择群体的小穗着生密度与穗粒数相关性不显著。

两个群体籽粒性状(千粒重、籽粒面积、籽粒周长、粒长和粒宽)间均呈极显著正相关,其中籽粒周长与粒长相关性最大,相关系数分别为 0.97 和 0.96;矮败小麦选择群体较普通小麦选择群体的相关性更强或相当,尤其是千粒重与其他籽粒性状(籽粒面积、籽粒周长、粒长和粒宽)的相关性。



* 和 ** 分别表示在 0.05 和 0.01 水平差异显著;上面的相关系数是普通小麦选择群体,下面的相关系数是矮败小麦选择群体。

* and ** mean significant difference at 0.05 and 0.01 levels, respectively. The upper correlation coefficients represent the common wheat selection population, and the other ones represent the dwarf male-sterile wheat selection population.

图 1 选择群体穗部性状和籽粒性状的相关性

Fig. 1 Correlation of spike related traits and grain related traits in the selection populations

籽粒长宽比与其他籽粒性状(千粒重、籽粒面积和粒宽)均呈显著负相关,其中籽粒长宽比与粒宽负相关性最大,相关系数分别为 -0.59 和 -0.53 ;籽粒长宽比与粒长呈极显著正相关,相关系数分别为 0.24 和 0.33 ;籽粒长宽比与籽粒周长相关性不显著。

两个群体穗部性状与籽粒性状间的相关性分析结果表明,矮败小麦选择群体大多呈极显著的正相关,穗部性状(单穗重、穗粒数、穗长、小穗数和小穗粒数)和籽粒性状(千粒重、籽粒面积、籽粒周长、粒长和粒宽)10个性状的45对相关系数指标中有39对表现更大的正相关性,4对相关系数指标两者相同,大穗大粒性的聚合效应更好。穗部性状的单穗重和穗长与籽粒性状(千粒重、籽粒面积、籽粒周长、粒长和粒宽)均呈极显著正相关,其中矮败小麦选择群体的相关性更大。小穗着生密度与籽粒性状(千粒重、籽粒面积、籽粒周长、粒长和粒宽)均呈极显著负相关,其中,矮败小麦选择群体的负相关性更大。穗部性状的穗粒数和小穗粒数与籽粒性状(千粒重、籽粒面积、籽粒周长、粒长和粒宽)均呈正相关,但矮败小麦选择群体相关性更大,且表现为极显著相关,普通小麦选择群体则表现为不显著或显著。穗部性状的小穗粒数与籽粒性状(千粒重、籽粒面积、籽粒周长、粒长和粒宽)相关性不显著,但矮败小麦选择群体均表现正相关,普通小麦选择群体则表现负相关或极显著负相关。籽粒的长宽比仅与穗部性状的单穗重呈极显著负相关,分别为 -0.23 和 -0.15 ,与其他穗部性状相关性不显著。

2.3 选择群体表型性状的主成分分析

对两个选择群体组成的总群体进行主成分分析,KMO检验和Bartlett球形度检验结果表明,KMO度量值为 0.607 ,Bartlett球形度检验的 P 值接近于 0 ,根据检验标准 $KMO > 0.6$ 、 $P < 0.05$,表明总群体的12个穗部和籽粒性状适合主成分分析。由表2可知,根据特征值大于1、累积贡献率大于85%的原则提取主成分,前4个主成分累积贡献率为89.29%,可反映12个性状的绝大部分信息。其中,第一主成分贡献率最大,为44.16%,载荷较大的有千粒重、籽粒面积、籽粒周长、粒长和粒宽,与粒重密切相关,代表籽粒的粒重因子;第二主成分次之,为22.45%,载荷较大的有单穗重、穗粒数、穗长、小穗数和小穗粒数,与穗重密切

相关,代表主茎穗的穗重因子;第三主成分和第四主成分贡献率较小,分别为12.37%和10.31%,载荷较大的分别为小穗着生密度和籽粒长宽比,与穗型和粒形密切相关,分别代表主茎穗的穗型因子和籽粒的粒形因子。

2.4 选择群体表型性状的聚类分析

根据选择群体的育种目标,聚类分析结果表明,在聚类个数为7时出现穗部性状和籽粒性状具有显著超亲效应的类群,因此将选择群体划分为7个类群(图2)。对7个类群和4个亲本的穗部性状和籽粒性状进行方差分析(表3),第I类包括112个单株,占选择群体的21.83%,其中矮败小麦选择群体47株、普通小麦选择群体65株,该类群穗部性状表现中等,籽粒性状表现中等偏下,属于中穗中粒类型。第II类包括36个单株,占选择群体的7.02%,其中矮败小麦选择群体20株、普通小麦选择群体16株,该类群穗部性状和

表 2 选择群体穗部性状和籽粒性状的主成分分析

Table 2 Principal component analysis of spike related traits and grain related traits in the selection populations

表型性状 Trait	主成分 Principal component			
	PC1	PC2	PC3	PC4
单穗重 Weight per spike	0.29	0.89	0.13	-0.19
穗粒数 Grain number per spike	0.05	0.95	-0.01	-0.06
穗长 Spike length	0.25	0.67	0.49	0.17
小穗数 Number of spikelets per spike	0.00	0.69	-0.52	0.18
小穗粒数 Grain number per spikelet	0.03	0.80	0.12	-0.09
小穗着生密度 Spikelet density	-0.26	-0.13	-0.95	-0.03
千粒重 Thousand- kernel weight	0.69	0.19	0.38	-0.36
籽粒面积 Grain area	0.97	0.12	0.13	-0.15
籽粒周长 Grain perimeter	0.98	0.10	0.11	0.11
粒长 Grain length	0.93	0.07	0.11	0.33
粒宽 Grain width	0.85	0.12	0.07	-0.48
籽粒长宽比 Grain aspect ratio	-0.04	-0.07	0.03	0.97
特征值 Characteristic value	5.30	2.69	1.49	1.24
方差贡献率 Contribution rate/%	44.16	22.45	12.37	10.31
累积贡献率 Accumulating contribution rate/%	44.16	66.61	78.98	89.29

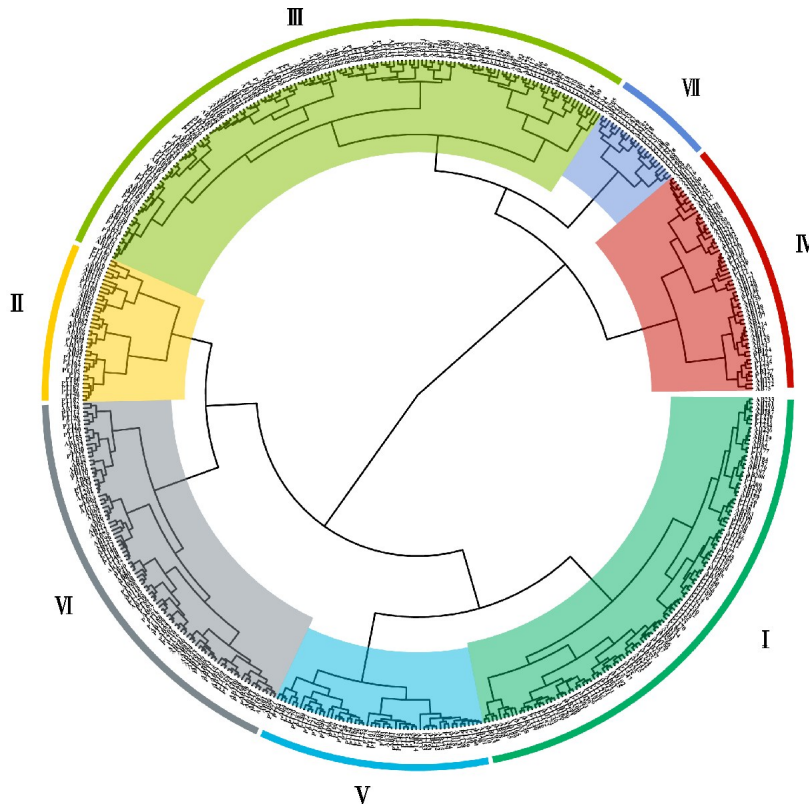


图 2 选择群体聚类图

Fig. 2 Dendrogram of the selection population

表 3 不同类群和亲本的穗部性状和籽粒性状比较

Table 3 Comparison of spike traits and grain traits among different groups and parental lines

类群 Group	单穗重 Weight per spike/g	穗粒数 Grain number per spike	穗长 Spike length/ cm	小穗数 Number of spikelets per spike	小穗粒数 Grain number per spikelet	小穗着 生密度 Spikelet density	千粒重 Thousand- kernel weight/g	籽粒面积 Grain area/ mm ²	籽粒周长 Grain perimeter/ mm	粒长 Grain length/ mm	粒宽 Grain width/mm	籽粒长宽比 Grain aspect ratio
矮败周麦 22 Dwarf male- sterile Zhoumai 22	3.7± 0.47de	70.97± 6.89bc	9.66± 0.69d	23.67± 1.3cd	4.13± 0.35cd	2.45± 0.12ab	52.02± 2.4e	18.17± 0.61f	16.86± 0.3gh	6.52± 0.12g	3.57± 0.08b	1.84± 0.04f
周麦 22 Zhoumai 22	3.74± 0.57d	72.87± 8.43b	9.75± 0.35d	24.4± 0.56b	4.23± 0.43c	2.51± 0.09a	51.14± 2.76e	18.21± 0.81f	16.91± 0.39gh	6.55± 0.15g	3.56± 0.09bc	1.85± 0.03f
漯麦 76 Luomai 76	3.52± 0.47e	63.73± 7.77e	8.97± 0.37e	22.47± 0.78fg	4.13± 0.35cd	2.51± 0.08a	55.18± 2.49c	19.28± 0.65cd	17.75± 0.34de	7.05± 0.15c	3.53± 0.06bc	2.01± 0.04e
漯新 001 Luoxin 001	4.53± 0.49b	83.1± 7.41a	12.88± 0.55a	25.43± 1.1a	4.47± 0.51b	1.98± 0.1e	54.49± 2.96cd	20.36± 0.66b	18.63± 0.29b	7.57± 0.13a	3.52± 0.08cd	2.16± 0.04a
I	3.71± 0.38de	69.39± 7.47bcd	10.44± 0.74c	23.92± 1.26bcd	4.05± 0.23de	2.3± 0.19c	53.49± 2.23d	18.4± 0.49f	17.4± 0.28f	6.94± 0.14d	3.43± 0.06f	2.03± 0.05cde
II	2.18± 0.33h	45.69± 8.72g	8.79± 0.57e	21.47± 2.26h	3.19± 0.47g	2.45± 0.26ab	48.32± 4.92g	16.97± 1.14h	16.74± 0.55h	6.69± 0.23f	3.27± 0.14g	2.06± 0.08c
III	3.84± 0.49d	66.98± 8.4de	10.58± 0.77c	22.84± 1.69ef	3.98± 0.25de	2.16± 0.17d	57.35± 2.74b	19.58± 0.67c	17.96± 0.38c	7.14± 0.19b	3.54± 0.08bc	2.02± 0.06de
IV	4.87± 0.46a	85.26± 6.22a	11.43± 0.66b	24.28± 1.32bc	4.89± 0.31a	2.13± 0.13d	57.11± 3.33b	19.25± 0.9d	17.83± 0.43cd	7.11± 0.19bc	3.49± 0.11de	2.05± 0.07cd
V	2.76± 0.26g	50.69± 4.96f	9.76± 0.71d	22.02± 1.63gh	3.48± 0.5f	2.26± 0.18c	54.58± 2.57cd	18.83± 0.68e	17.64± 0.41e	7.05± 0.19c	3.46± 0.08ef	2.04± 0.06cd
VI	3.16± 0.41f	63.62± 8.01e	9.94± 0.8d	23.52± 1.41d	3.92± 0.27e	2.38± 0.19b	49.74± 2.74f	17.31± 0.65g	16.98± 0.37g	6.81± 0.19e	3.28± 0.09g	2.08± 0.08b
VII	4.16± 0.51c	68.74± 9.5cd	11.48± 0.79b	23.35± 1.53de	4.04± 0.21de	2.04± 0.15e	60.69± 3.38a	21.47± 0.81a	18.97± 0.41a	7.55± 0.17a	3.69± 0.08a	2.05± 0.05c

表中数据为均值±标准差;数据后小写字母表示不同材料间在 0.01 水平差异显著。

Data in the table are presented as mean±standard deviation; The letters after the values indicate significant differences among different materials at 0.01 level.

籽粒性状均为所有类群最差,属于小穗小粒类型。第Ⅲ类包括 142 个单株,占选择群体的 27.68%,其中矮败小麦选择群体 62 株、普通小麦选择群体 80 株,该类群穗部性状中等偏上,籽粒性状较好,属于中穗大粒类型。第Ⅳ类包括 57 个单株,占选择群体的 11.11%,其中矮败小麦选择群体 44 株、普通小麦选择群体 13 株,该类群穗部性状最好,籽粒性状较好,单穗重、穗粒数和小穗粒数在所有类群及亲本中表现最好,具有超亲效应,千粒重、籽粒面积、籽粒周长和粒长超越亲本周麦 22 和漯麦 76,大穗性状和大粒性状达到了较好的聚合效果,属于大穗大粒类型。第Ⅴ类包括 52 个单株,占选择群体的 10.14%,其中矮败小麦选择群体 15 株、普通小麦选择群体 37 株,该类群穗部性状较差,籽粒性状中等,属于小穗中粒类型。第Ⅵ类包括 91 个单株,占选择群体的 17.74%,其中矮败小麦选择群体 52 株、普通小麦选择群体 39 株,该类群穗部性状中等,籽粒性状较差,属于中穗小粒类型。第Ⅶ类包括 23 个单株,占选择群体的 4.48%,其中矮败小麦选择群体 3 株、普通小麦选择群体 20 株,该类群穗部性状较好,籽粒性状最好,千粒重、籽粒面积、籽粒周长、粒长和粒宽在所有类群和亲本中表现最好,具有超亲效应,同时穗部性状处于所有类群前 3,单穗重、穗长超越亲本周麦 22 和漯麦 76,大穗性状和大粒性状也达到了较好的聚合效果,属于大穗大粒类型。

3 讨论

3.1 矮败小麦对选择群体穗部性状和籽粒性状的影响

遗传变异是开展育种的先决条件^[20],在小麦育种中复交 F_1 是小麦复交组合农艺性状的初始分离时期,也是育种实践中遗传变异最丰富的时期。在这一时期,由于分蘖成穗更加易受环境影响^[21],穗部和籽粒性状是育种家在小麦高产育种中优先选择的性状。利用普通小麦选择群体和矮败小麦选择群体的穗部和籽粒性状,比较普通小麦和矮败小麦对小麦新种质的大穗大粒性状聚合效应,对矮败小麦的进一步应用具有重要意义。

多样性分析结果表明,两个选择群体在穗部性状和籽粒性状上均表现出较大的遗传变异,其中穗部性状较籽粒性状具有更大的变异,矮败小麦选择群体的穗部性状(除小穗数)变异均达到 10%以上,且平均表现略优于普通小麦选择群体。

变异系数越大的性状,选择群体的变异程度越高,选育的潜力越大^[22],说明矮败小麦选择群体的穗部性状具有最大的选育潜力。两个选择群体各性状的多样性指数均较大,且保持在较窄的范围,说明选择群体各性状的变异类型均较丰富^[23]。

相关性分析结果表明,两个选择群体的穗部和籽粒性状大部分表现出极显著相关性,其中穗部性状间和籽粒性状间的相关性几乎表现一致,仅相关系数大小具有差异,但在穗部性状与籽粒性状之间的相关性表现具有较大的差异。相关性分析只能区分性状间的相近程度,不能代表性状间的因果关系^[24]。矮败小麦选择群体的穗粒数、小穗数和小穗粒数三个穗部性状与籽粒性状较普通小麦选择群体表现出极显著正相关或正相关关系,说明矮败小麦选择群体更易将穗部性状与籽粒性状进行正向效应的聚合。

多样性分析和相关性分析结果表明,两个选择群体均具有丰富的遗传多样性,同时各性状具有相同的变异趋势,但在部分性状上表现出不同的选育潜力,同时矮败小麦在穗部性状和籽粒性状之间表现更强的正向聚合效应。两者的遗传背景差异在于周麦 22 和其矮败近等基因系矮败周麦 22。本研究中,周麦 22 和矮败周麦 22 在 12 个穗部性状和籽粒性状中除小穗数均未表现出显著差异,这与代旭冉等^[15]、鲍海滢等^[25]和张会飞等^[26]的研究结果一致。因此,矮秆基因 *Rht-D1c* 和雄性不育基因 *Ms2* 连锁表现的矮秆雄性不育性状虽对周麦 22 的穗部性状和籽粒性状几乎没有影响,但对后代分离群体产生了一定的影响,有利于打破不利性状间的连锁,促进微效基因的累加。

3.2 矮败小麦对选择群体后代株系的影响

主成分分析将多个性状指标转化为少数几个主成分,去除了赘余信息的干扰,更好地描述了聚类类群的构成特征,划分的类群不是某一性状突出,而是综合性状优良^[27-28]。株系的选择在育种实践中遵循“低代宽高代严”的标准,初始分离世代是育种的最低性状分离世代,以类群进行选择在育种上也更有意义。主成分分析将两个选择群体的 12 个穗部和籽粒性状降维为粒重因子、穗重因子、穗型因子和粒形因子,并根据株系的这 4 个主成分进行聚类获得 7 个类群。选择群体的育种目标是选择单穗重高、穗粒数多、千粒重高且性状间协调的类群,第Ⅳ类和第Ⅶ类是育种中理想的类群。第Ⅳ类群侧重于穗部性状超亲,且表现最

好,第Ⅶ类群侧重于籽粒性状超亲且表现最好,前者矮败小麦选择群体占比较高,后者普通小麦选择群体占比较高。穗部性状属于田间选择性状,籽粒性状属于室内考种选择性状,在育种实践中田间选择局限于工作量,无法收获所有株系进行室内考种选择,往往先进行田间选择后进行室内考种。第Ⅶ类群穗部性状超亲相较不显著,在此过程中更易丢失,因此第Ⅳ类群为初始分离群体更理想的类群。该类群对大穗大粒性状的选择更容易,包括57个材料,其中矮败群体占比77.19%,具有多数优势。综合以上信息,矮败小麦选择群体在大穗大粒性状的选择上更具优势,为更好的育种策略。

3.3 矮败小麦育种应用的分析与展望

近年来,随着审定制度的改革小麦品种审定数量增加,但小麦同质化问题逐渐凸显^[29],小麦新种质的创新和应用是解决这一问题的有效途径。本研究中矮败小麦选择群体在对小麦新种质漯新001和漯麦76的大穗大粒性状聚合效应表现出一定的优势,是否在其他性状上矮败小麦也能表现更强的聚合效应需要进一步研究。本研究下矮败小麦对打破性状连锁表现出其独特的优势。矮败小麦具有矮秆败育、节省人工的作用,这使“有限种质的无限杂交”成为可能,即通过2~4个小麦种质配置组合,开展组合内规模杂交。初始分离世代具有丰富的遗传多样性,目标性状间形成丰富的类型,将具有目标性状同时缺点更少的类型与其互补类型进行组合内杂交,以杂对杂^[30],同时利用矮败小麦可打破连锁的特点,不断剔除小麦创新种质的遗传累赘,达到最终的育种目标。本课题组通过此方法构建群体,分两年播种,第一年在初始分离世代中选特点鲜明、缺点更少的高秆可育株系,与第二年种植的初始分离世代中特点鲜明、缺点更少的矮败株系杂交,形成组合内性状互补,以此循环杂交,最终选育出中麦6342等一批小麦新品系,具有较强的应用价值。“有限种质的无限杂交”技术遗传背景清晰,不利性状可控,主要农艺性状更易于稳定,该技术节省了阶梯杂交的时间,加速了育种进程。

参考文献:

- [1] CAO S H, XU D A, HANIF M, *et al.* Genetic architecture underpinning yield component traits in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2020, 133(6):1811.
- [2] WOLDE G M, MASCHER M, SCHNURBUSCH T. Genetic modification of spikelet arrangement in wheat increases grain number without significantly affecting grain weight [J]. *Molecular Genetics and Genomics*, 2019, 294(2):457.
- [3] NING S Z, WANG X Y, MA C F, *et al.* Development and characterization of small translocations between the *Pm13* introgression from *Aegilops longissima* and wheat homologous A, B and D chromosomes [J]. *BMC Plant Biology*, 2025, 25(1):179.
- [4] LI G W, REN Y, YANG Y X, *et al.* Genomic analysis of Zhou 8425B, a key founder parent, reveals its genetic contributions to elite agronomic traits in wheat breeding [J]. *Plant Communications*, 2025, 6(3):101222.
- [5] LUO Q L, ZHENG Q, TONG C Y, *et al.* The location and genome origin of alien chromatin in wheat founder parent Xiaoyan 6 [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2025, 138(2):41.
- [6] LIN Y D, ZHOU S H, LIANG X Z, *et al.* Introgression of chromosome 6PL terminal segment from *Agropyron cristatum* to increase both grain number and grain weight in wheat [J]. *The Crop Journal*, 2023, 11(3):878.
- [7] YANG F, LIU Q E, WANG Q, *et al.* Characterization of the durum wheat-*Aegilops tauschii* 4D(4B) disomic substitution line YL-443 with superior characteristics of high yielding and stripe rust resistance [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12:745290.
- [8] 安调过, 许红星, 许云峰. 小麦远缘杂交种质资源创新[J]. 中国生态农业学报, 2011, 19(5):1011.
- AN D G, XU H X, XU Y F. Enhancement of wheat distant hybridization germplasm [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2011, 19(5):1011.
- [9] 刘成, 韩冉, 汪晓璐, 等. 小麦远缘杂交现状、抗病基因转移及利用研究进展[J]. 中国农业科学, 2020, 53(7):1287.
- LIU C, HAN R, WANG X L, *et al.* Research progress of wheat wild hybridization, disease resistance genes transfer and utilization [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(7):1287.
- [10] 赵丽娟, 宋维富, 杨雪峰, 等. 矮败小麦在新品种培育和种质创新中的应用进展[J]. 麦类作物学报, 2025, 45(2):188.
- ZHAO L J, SONG W F, YANG X F, *et al.* Progress in the application of dwarf male-sterile wheat in cultivation of new varieties and germplasm innovation [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2025, 45(2):188.
- [11] 刘乘华, 杨丽. 矮败小麦及其在矮化育种中的应用[J]. 中国农业科学, 1994, 27(5):17.
- LIU B H, YANG L. Dwarf abortive wheat and its application in dwarf breeding [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 1994, 27(5):17.
- [12] 刘宏伟, 刘乘华, 周阳, 等. 矮败小麦育种技术研究进展[J]. 中国农业科技导报, 2013, 15(1):25.
- LIU H W, LIU B H, ZHOU Y, *et al.* Progress in dwarf male-sterile wheat breeding technology system [J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2013, 15(1):25.
- [13] 翟虎渠, 刘乘华. 矮败小麦创制与应用[J]. 中国农业科学, 1994, 27(5):17.

- 2009,42(12):4127.
- ZHAI H Q, LIU B H. The innovation of dwarf male sterile wheat and its application in wheat breeding [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2009, 42(12):4127.
- [14]王 炜,陈 琛,叶春雷,等. 花药培养与麦谷蛋白亚基分子标记结合选育小麦新品种的研究[J]. 麦类作物学报, 2019, 39(3):277.
- WANG W, CHEN C, YE C L, *et al.* Studies on wheat breeding by combination of anther culture and glutenin-subunit molecular marker techniques [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2019, 39(3):277.
- [15]代旭冉,黄义文,李 腾,等. 利用 Fhb1 基因分子标记辅助回交育种改良黄淮冬小麦赤霉病抗性[J]. 麦类作物学报, 2021, 41(9):1081.
- DAI X R, HUANG Y W, LI T, *et al.* Improvement of resistance to *Fusarium* head blight by Fhb1 molecular marker-assisted backcrossing in the Huang-Huai River valley winter wheat region [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(9):1081.
- [16]买春艳,刘易科,刘宏伟,等. 基于矮败小麦分子育种策略培育黄淮抗赤霉病小麦新品种轮选 20[J]. 中国农业科学, 2024, 57(19):3719.
- MAI C Y, LIU Y K, LIU H W, *et al.* Breeding of the *Fusarium* head blight (FHB)-resistant wheat cultivar Lunxuan 20 using the dwarf-male sterile wheat molecular strategy in the Yellow and Huai river valley winter wheat region [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2024, 57(19):3719.
- [17]王文静,张增民,张萌琪,等. 利用分子跟踪检测和滚动回交创制转基因矮败小麦抗旱新种质[J]. 西北农业学报, 2018, 27(10):1423.
- WANG W J, ZHANG Z M, ZHANG M Q, *et al.* Innovation of novel wheat germplasm with drought resistance genes through molecular marker tracking and rolling convergent backcross in the dwarf male-sterile wheat system [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2018, 27(10):1423.
- [18]袁 谦,赵永涛,孟凡奇,等. 大穗型小麦新种质穗部性状遗传效应分析[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(16):86.
- YUAN Q, ZHAO Y T, MENG F Q, *et al.* Genetic effect analysis of panicle traits of new large-spike wheat germplasm [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2022, 50(16):86.
- [19]袁 谦,赵永涛,张中州,等. 小麦籽粒性状的遗传效应分析及其育种策略[J]. 麦类作物学报, 2023, 43(4):434.
- YUAN Q, ZHAO Y T, ZHANG Z Z, *et al.* Genetic analysis and breeding strategy of grain traits in wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2023, 43(4):434.
- [20]CÍLIA-GARCÍA M, JIMÉNEZ-GALINDO J C, PEÑA-VALDIVIA C B, *et al.* Inheritance of drought tolerance in a F₃ biparental population of pinto Saltillo (*Phaseolus vulgaris* L.) × tepary café (*Phaseolus acutifolius* A. gray) [J]. *Agronomy*, 2025, 15(2):268.
- [21]陈 悦,王同著,郑跃婷,等. 小麦分蘖性状分子遗传研究进展[J]. 麦类作物学报, 2022, 42(5):564.
- CHEN Y, WANG T Z, ZHENG Y T, *et al.* Advances in molecular genetics of tillering characters in wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2022, 42(5):564.
- [22]付连双,和阳升,王欣晨,等. 179 份高粱种质资源表型鉴定与遗传多样性分析[J]. 东北农业大学学报, 2024, 55(2):1.
- FU L S, HE Y S, WANG X C, *et al.* Phenotypic identification and genetic diversity analysis of 179 sorghum germplasm resources [J]. *Journal of Northeast Agricultural University*, 2024, 55(2):1.
- [23]张一中,张晓娟,梁 笃,等. 基于表型性状的高粱育种材料遗传多样性分析及综合评价[J]. 中国农业科学, 2023, 56(15):2837.
- ZHANG Y Z, ZHANG X J, LIANG D, *et al.* Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of sorghum breeding materials based on phenotypic traits [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2023, 56(15):2837.
- [24]LIN F, WANG M, ZHAO N, *et al.* Evaluation of quality traits in relation to mechanical harvesting for screening excellent materials in *Gossypium barbadense* L. germplasm resources [J]. *Agronomy*, 2024, 14(5):891.
- [25]鲍海澄,刘秉华,王山荪,等. 矮败小麦近等基因系的分子检测[J]. 作物学报, 2001, 27(4):541.
- BAO H Y, LIU B H, WANG S H, *et al.* Molecular detection of near-isogenic lines in dwarf abortive wheat [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2001, 27(4):541.
- [26]ZHANG H F, HAO Q Q, NI F, *et al.* Wheat *Ms2* confers complete male sterility without penalizing other traits [J]. *Cereal Research Communications*, 2022, 50(2):191.
- [27]李玉珊,肖 菁,马 越,等. 169 份番茄种质资源表型性状遗传多样性分析及综合评价[J]. 中国农业科学, 2024, 57(18):3671.
- LI Y S, XIAO J, MA Y, *et al.* Identification and evaluation of phenotypic characters and genetic diversity analysis of 169 tomato germplasm resources [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2024, 57(18):3671.
- [28]李 颖,张树航,郭 燕,等. 211 份板栗种质资源花序表型多样性和聚类分析[J]. 中国农业科学, 2020, 53(22):4667.
- LI Y, ZHANG S H, GUO Y, *et al.* Catkin phenotypic diversity and cluster analysis of 211 Chinese chestnut germplasms [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(22):4667.
- [29]付雪丽,景 琦,陈 旭,等. 我国小麦种子供需现状与产业发展趋势[J]. 中国种业, 2023(2):20.
- FU X L, JING Q, CHEN X, *et al.* Current situation of wheat seed supply and demand in China and its industrial development trend [J]. *China Seed Industry*, 2023(2):20.
- [30]方 正,翟冬峰,刘维正. 小麦育种中亲本创新的典型事例及难点分析[J]. 麦类作物学报, 2017, 37(5):609.
- FANG Z, ZHAI D F, LIU W Z. Typical cases and difficulty analysis of germplasm innovation in wheat breeding [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2017, 37(5):609.